

Figure 1 : Alignment of the BASB024 polynucleotide sequences.

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot, and a dash ("-") indicates a missing nucleotide.

	*	20	*	40	*	
Seqid1 :	ATGAGATCTTCTTTCCGGTTGAAGCCGATTTGTTTTATCTTATGGGTGT :					50
Seqid3 :					50
Seqid5 :C.....					50

	60	*	80	*	100	
Seqid1 :	TATGCTATATCATCATAGTTATGCCGAAGATGCAGGGCGCGCGGGCAGCG :					100
Seqid3 :					100
Seqid5 :	..C.....T.....					100

	*	120	*	140	*	
Seqid1 :	AGGCGCAGATACAGTTTTTGAAGATGTGCACGTCAAGGCGAAGCGCGTA :					150
Seqid3 :					150
Seqid5 :					150

	160	*	180	*	200	
Seqid1 :	CCGAAAGACAAAAAAGTGTTTACCGATGCGCGTGCCGTATCGACCCGTCA :					200
Seqid3 :					200
Seqid5 :					200

	*	220	*	240	*	
Seqid1 :	GGATATATTCAAATCCAGCGAAAACCTCGACAACATCGTACGCAGCATCC :					250
Seqid3 :					250
Seqid5 :					250

	260	*	280	*	300	
Seqid1 :	CCGGTGC GTTTACACAGCAAGATAAAAGCTCGGGCATTGTGTCTTTGAAT :					300
Seqid3 :					300
Seqid5 :					300

09/762926-051101

2/17

 * 320 * 340 *

Seqid1 : ATTCGCGGCGACAGCGGGTTCGGGCGGGTCAATACGATGGTGGACGGCAT : 350

Seqid3 : : 350

Seqid5 : : 350

 360 * 380 * 400

Seqid1 : CACGCAGACCTTTTATTCGACTTCTACCGATGCGGGCAGGGCAGGCGGTT : 400

Seqid3 : : 400

Seqid5 : : 400

 * 420 * 440 *

Seqid1 : CATCTCAATTCGGTGCATCTGTCGACAGCAATTTTATTGCCGGACTGGAT : 450

Seqid3 : : 450

Seqid5 : : 450

 460 * 480 * 500

Seqid1 : GTCGTCAAAGGCAGCTTCAGCGGCTCGGCAGGCATCAACAGCCTTGCCGG : 500

Seqid3 : : 500

Seqid5 : : 500

 * 520 * 540 *

Seqid1 : TTCGGCGAATCTGCGGACTTTAGGCGTGGATGACGTCGTTTCAGGGCAATA : 550

Seqid3 : : 550

Seqid5 : : 550

 560 * 580 * 600

Seqid1 : ATACCTACGGCCTGCTGCTAAAAGGTCTGACCGGCACCAATTCAACCAAA : 600

Seqid3 : : 600

Seqid5 : : 600

 * 620 * 640 *

Seqid1 : GGTAATGCGATGGCGGCGATAGGTGCGCGCAAATGGCTGGAAAGCGGAGC : 650

09/762926-061101

3/17

Seqid3 : : 650
 Seqid5 : : 650

660 * 680 * 700
 Seqid1 : ATCTGTCGGTGTGCTTTACGGGCACAGCAGGCGCACGTGGGCGCAAAATT : 700
 Seqid3 :GCGT..... : 700
 Seqid5 :GCGT..... : 700

* 720 * 740 *
 Seqid1 : ACCGCGTGGGCGGCGGGCGGGCAGCACATCGGAAATTTTGGCGCGGAATAT : 750
 Seqid3 : : 750
 Seqid5 : : 750

760 * 780 * 800
 Seqid1 : CTGGAACGGCGCAAACAGCGATATTTGTACAAGAAGGCGGGTTGAAATT : 800
 Seqid3 :G..... : 800
 Seqid5 : T.....G.....G..T.CT..... : 800

* 820 * 840 *
 Seqid1 : CAATTCCAACAGCGGAAAATGGGAGCGGGATTTCCAAAGGCCGTACTGGA : 850
 Seqid3 : : 850
 Seqid5 :G.....A.....AAC.G..... : 850

860 * 880 * 900
 Seqid1 : AAACCAAGTGGTATCAAAAATACAATGACCCCCAAGAACTGCAAAAATAC : 900
 Seqid3 : : 900
 Seqid5 : ..TA....CC....A....T....CA...--.....A..... : 897

* 920 * 940 *
 Seqid1 : ATCGAAGGTCATGACAAAAGCTGGCGGGAAAACCTGGCGCCGCAATACGA : 950
 Seqid3 : : 950
 Seqid5 : : 947

09762926-061101

4/17

960 * 980 * 1000
 Seqid1 : CATCACCCCATCGATCCGTCCAGCCTGAAGCAGCAGTCGGCAGGCAATC : 1000
 Seqid3 : : 1000
 Seqid5 : : 997

* 1020 * 1040 *
 Seqid1 : TGTTTAAATTGGAATACGACGGCGTATTCAATAAATACACGGCGCAATTT : 1050
 Seqid3 : : 1050
 Seqid5 : : 1047

1060 * 1080 * 1100
 Seqid1 : CGCGATTTAAACACCAAAATCGGCAGCCGCAAAATCATCAACCGCAATTA : 1100
 Seqid3 : : 1100
 Seqid5 : : 1097

* 1120 * 1140 *
 Seqid1 : TCAATTCAATTACGGTTTATCTTTAAACTCATATGCCAACCTCAATCTGA : 1150
 Seqid3 : : 1150
 Seqid5 : ...G.....G....G...C.G...A..... : 1147

1160 * 1180 * 1200
 Seqid1 : CCGCAGCCTACAATTCGGGCAGGCAGAAATATCCGAAAGGGTCGAAGTTT : 1200
 Seqid3 : : 1200
 Seqid5 : : 1197

* 1220 * 1240 *
 Seqid1 : ACAGGCTGGGGGCTTTTAAAAGATTTTGAAACCTACAACAACGCGAAAAT : 1250
 Seqid3 : : 1250
 Seqid5 :G..... : 1247

1260 * 1280 * 1300
 Seqid1 : CCTCGACCTCAACAACACCGCCACCTTCCGGCTGCCCCGCGAAACCGAGT : 1300
 Seqid3 : : 1300
 Seqid5 : : 1297

09762926-061101

5/17

* 1320 * 1340 *

Seqid1 : TGCAAACCACTTTGGGCTTCAATTATTTCCACAACGAATACGGCAAAAAC : 1350

Seqid3 : : 1350

Seqid5 : : 1347

 1360 * 1380 * 1400

Seqid1 : CGCTTTCCTGAAGAATTGGGGCTGTTTTTCGACGGTCCGGATCAGGACAA : 1400

Seqid3 : : 1400

Seqid5 :T..... : 1397

* 1420 * 1440 *

Seqid1 : CGGGCTTTATTCCTATTTGGGGCGGTTTAAGGGCGATAAAGGGCTGCTGC : 1450

Seqid3 : : 1450

Seqid5 : : 1447

 1460 * 1480 * 1500

Seqid1 : CCCAAAAATCAACCATCGTCCAACCGGCCGCGCAGCCAATATTTCAACACG : 1500

Seqid3 : : 1500

Seqid5 :T..... : 1497

* 1520 * 1540 *

Seqid1 : TTCTACTTCGATGCCGCGCTCAAAAAAGACATTTACCGCTTAACTACAG : 1550

Seqid3 : : 1550

Seqid5 : : 1547

 1560 * 1580 * 1600

Seqid1 : CACCAATACCGTCGGCTACCGTTTCGGCGGCGAATATACGGGCTATTACG : 1600

Seqid3 : : 1600

Seqid5 : : 1597

* 1620 * 1640 *

Seqid1 : GCTCGGATGACGAATTTAAGCGGGCATTTCGGAGAAAACGCGCCGACATAC : 1650

09762926-061101

6/17

Seqid3 : : 1650
 Seqid5 : : 1647

1660 * 1680 * 1700
 Seqid1 : AAGAAACATTGCAACCAGAGCTGCGGAATTTATGAACCCGTATTGAAAAA : 1700
 Seqid3 : : 1700
 Seqid5 :G.....G..... : 1697

* 1720 * 1740 *
 Seqid1 : ATACGGCAAAAAGCGCGCCAACAACCATTGCGTCAGCATTAGTGCGGACT : 1750
 Seqid3 : : 1750
 Seqid5 : : 1747

1760 * 1780 * 1800
 Seqid1 : TCGGCGATTATTTTCATGCCGTTGCGCCAGCTATTCGCGCACACACCGTATG : 1800
 Seqid3 : : 1800
 Seqid5 : : 1797

* 1820 * 1840 *
 Seqid1 : CCCAACATCCAAGAAATGTATTTTCCCAAATCGGCGACTCCGGCGTTCA : 1850
 Seqid3 : : 1850
 Seqid5 : : 1847

1860 * 1880 * 1900
 Seqid1 : CACCGCCTTAAAACCAGAGCGCGCAAACACTTGGCAATTTGGCTTCAATA : 1900
 Seqid3 : : 1900
 Seqid5 : : 1897

* 1920 * 1940 *
 Seqid1 : CCTATAAAAAAGGATTGTTAAAAACAAGATGATACATTAGGATTAAACTG : 1950
 Seqid3 : : 1950
 Seqid5 : : 1947

09762926-061101

7/17

1960 * 1980 * 2000
 Seqid1 : GTCGGCTACCGCAGCCGCATCGACAACCTACATCCACAACGTTTACGGGAA : 2000
 Seqid3 : : 2000
 Seqid5 : : 1997

* 2020 * 2040 *
 Seqid1 : ATGGTGGGATTTGAACGGGAATATTCCGAGCTGGGTGAGCAGCACCAGGC : 2050
 Seqid3 : : 2050
 Seqid5 :G..... : 2047

2060 * 2080 * 2100
 Seqid1 : TTGCCTACACCATCCAACACCGCAATTTCAAAGACAAAGTACACAAACAC : 2100
 Seqid3 : : 2100
 Seqid5 :T.....G..... : 2097

* 2120 * 2140 *
 Seqid1 : GGTTTTGAGTTGGAGCTGAATTACGATTATGGGCGTTTTTTCACCAACCT : 2150
 Seqid3 : : 2150
 Seqid5 : : 2147

2160 * 2180 * 2200
 Seqid1 : TTCTTACGCCTATCAAAAAAGCAGCAACCGACCAACTTCAGCGATGCGA : 2200
 Seqid3 : : 2200
 Seqid5 : : 2197

* 2220 * 2240 *
 Seqid1 : GCGAATCGCCCCAACAATGCGTCCAAAGAAGACCAACTCAAACAAGGTTAT : 2250
 Seqid3 : : 2250
 Seqid5 : : 2247

2260 * 2280 * 2300
 Seqid1 : GGGTTGAGCAGGGTTTCCGCCCTGCCGCGAGATTACGGACGTTTGGAACT : 2300
 Seqid3 : : 2300

09762926-061101

8/17

Seqid5 : : 2297

* 2320 * 2340 *

Seqid1 : CGGTACGCGCTGGTTGGGCAACAACTGACTTTGGGCGGCGCGATGCGCT : 2350

Seqid3 : : 2350

Seqid5 : : 2347

2360 * 2380 * 2400

Seqid1 : ATTCGGAAGAGCATCCGCGGACGGCTGAAGAACGCTATATCGACGGC : 2400

Seqid3 : : 2400

Seqid5 : : 2397

* 2420 * 2440 *

Seqid1 : ACCAACGGGGGAAATACCAGCAATGTCCGGCAACTGGGCAAGCGTTCCAT : 2450

Seqid3 : : 2450

Seqid5 :T..... : 2447

2460 * 2480 * 2500

Seqid1 : CAAACAAACCGAAACCCTTGCCCGCCAGCCTTTGATTTTGTATTTTACG : 2500

Seqid3 : : 2500

Seqid5 :T..... : 2497

* 2520 * 2540 *

Seqid1 : CCGCTTACGAGCCGAAGAAAAACCTTATTTTCCGCGCCGAAGTCAAAAAT : 2550

Seqid3 : : 2550

Seqid5 : : 2547

2560 * 2580 * 2600

Seqid1 : CTGTTCGACAGGCGTTATATCGATCCGCTCGATGCGGGCAATGATGCGGC : 2600

Seqid3 : : 2600

Seqid5 : : 2597

09762926-06101

9/17

* 2620 * 2640 *

Seqid1 : AACGCAGCGTTATTACAGTTCGTTTCGACCCGAAAGACAAGGACGAAGAAG : 2650

Seqid3 : : 2650

Seqid5 :C.....C. : 2647

2660 * 2680 * 2700

Seqid1 : TAACGTGTAATGCTGATAAAACGTTGTGCAACGGCAAATACGGCGGCACA : 2700

Seqid3 : : 2700

Seqid5 : : 2697

* 2720 * 2740 *

Seqid1 : AGCAAAAGCGTATTGACCAATTTTGCACGCGGACGCACCTTTTTGATAAC : 2750

Seqid3 : : 2750

Seqid5 : : 2747

2760

Seqid1 : GATGAGCTACAAGTTTTAA : 2769

Seqid3 : : 2769

Seqid5 : : 2766

09762926-061101

10/17

Figure 2 : Alignment of the BASB024 polypeptide sequences.

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot, and a dash ("-") indicates a missing amino acid.

```

          *          20          *          40          *
Seqid2 : MRSSFRLKPICFYLMGVMLYHHSYAEDAGRAGSEAQIQVLEDVHVKA KRV : 50
Seqid4 : ..... : 50
Seqid6 : .....T...Y..... : 50

          60          *          80          *          100
Seqid2 : PKDKKVFTDARAVSTRQDIFKSSSENLDNIVRSIPGAFTQQDKSSGIVSLN : 100
Seqid4 : ..... : 100
Seqid6 : ..... : 100

          *          120          *          140          *
Seqid2 : IRGDSGFGRVNTMVDGITQTFYSTSTDAGRAGGSSQFGASVDSNFIAGLD : 150
Seqid4 : ..... : 150
Seqid6 : ..... : 150

          160          *          180          *          200
Seqid2 : VVKGSFSGSAGINSLAGSANLRTLGVDDVVQGNNTYGLLLKGLTGTNSTK : 200
Seqid4 : ..... : 200
Seqid6 : ..... : 200

          *          220          *          240          *
Seqid2 : GNAMAAIGARKWLESGASVGVLVYGHSSRRTWAQNYRVGGGGQHIGNFGAEY : 250
Seqid4 : .....SV..... : 250
Seqid6 : .....SV..... : 250

```

09762926-061101

09/762926

WO 00/11182

09/762926

PCT/EP99/05989

11/17

260 * 280 * 300
Seqid2 : LERRKQRYFVQEGGLKFNSNSGKWERDFQRPYWKTKWYQKYNDPQELQKY : 300
Seqid4 : : 300
Seqid6 :A.....D.....L..QQ..Y.P.KN..N-..... : 299

* 320 * 340 *
Seqid2 : IEGHDKSWREN LAPQYDITPIDPSSLKQQSAGNLFKLEYDGVFNKYTAQF : 350
Seqid4 : : 350
Seqid6 : : 349

360 * 380 * 400
Seqid2 : RDLNTKIGSRKIINRNYQFNYSLSLNSYANLNLTAAYN SGRQKYPKGSKF : 400
Seqid4 : : 400
Seqid6 :P.T..... : 399

* 420 * 440 *
Seqid2 : TGWGLLKDFETYNNAKILDNLNTATFRLPRETELQTTLGFN YFHNEYGKN : 450
Seqid4 : : 450
Seqid6 : : 449

460 * 480 * 500
Seqid2 : RFPEELGLFFDGPDQDNGLYSYLGRFKGDKGLLPQKSTIVQPAGSQYFNT : 500
Seqid4 : : 500
Seqid6 : : 499

* 520 * 540 *
Seqid2 : FYFDAALKKDIYRLNYSNTVGYRFGGEYTGYYGSDDEFKRAFGENSPTY : 550
Seqid4 : : 550
Seqid6 : : 549

09/762926-064104

12/17

560 * 580 * 600
 Seqid2 : KKHCNQSCGIYEPVLKKYGKKRANNHSVSISADFGDYFMPFASYSRTHRM : 600
 Seqid4 : : 600
 Seqid6 :R..... : 599

* 620 * 640 *
 Seqid2 : PNIQEMYFSQIGDSGVHTALKPERANTWQFGFNTYKKGLLKQDDTLGLKL : 650
 Seqid4 : : 650
 Seqid6 : : 649

660 * 680 * 700
 Seqid2 : VGYRSRIDNYIHNVGKWWDLNGNIPSWVSSTGLAYTIQHRNFKDKVHKH : 700
 Seqid4 : : 700
 Seqid6 :D..... : 699

* 720 * 740 *
 Seqid2 : GFELELNLDYGRFFTNLSYAYQKSTQPTNFSASESPNNASKEDQLKQGY : 750
 Seqid4 : : 750
 Seqid6 : : 749

760 * 780 * 800
 Seqid2 : GLSRVSALPRDYGRLEVGTWLGKLTLLGGAMRYFGKSIRATAEERYIDG : 800
 Seqid4 : : 800
 Seqid6 : : 799

* 820 * 840 *
 Seqid2 : TNGGNTSNVRQLGKRSIKQTETLARQPLIFDFYAAAYEPKKNLIFRAEVKN : 850
 Seqid4 : : 850
 Seqid6 :F..... : 849

09762926-051101

13/17

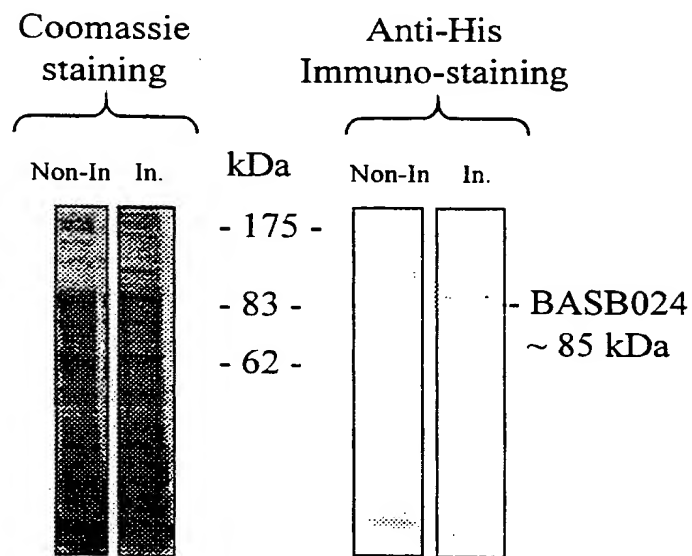
860 * 880 * 900
Seqid2 : LFD RRYIDPLDAGNDAATQ RYYSSFDPKDKDEEVTCNADKTL CNGKYGGT : 900
Seqid4 : : 900
Seqid6 :D..... : 899

* 920
Seqid2 : SKSVLTNFARGRTFLITMSYKF : 922
Seqid4 : : 922
Seqid6 : : 921

09762926-064101

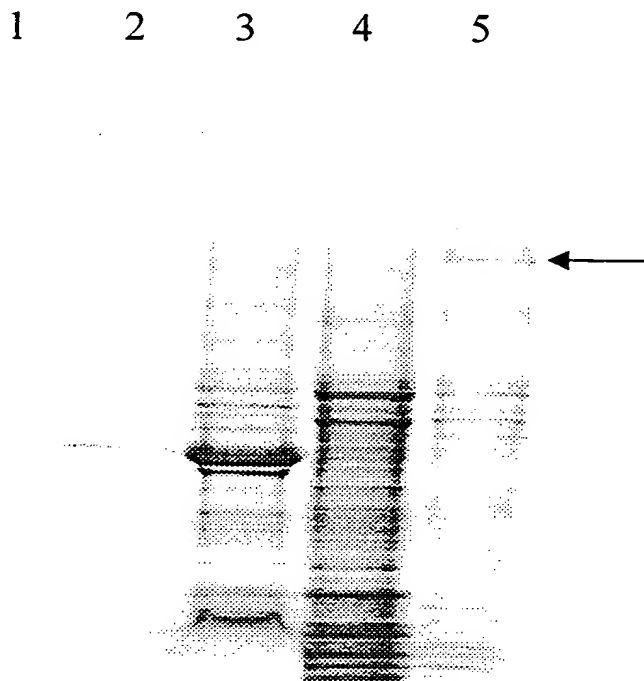
14/17

Figure 3. Expression and purification of recombinant BASB024 in *E. coli*.



09/762926

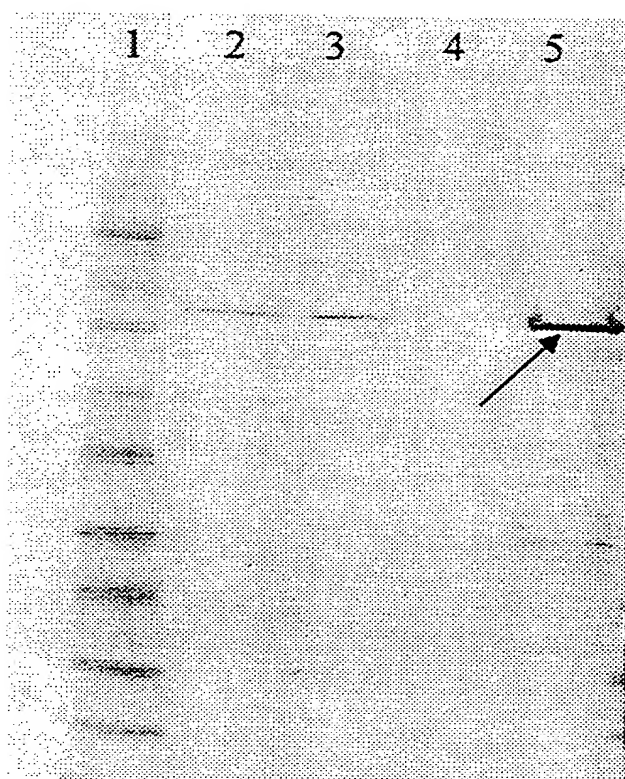
15/17

Figure 4 : Coomassie stained SDS-PAGE of the purification fractions of BASB024

Lanes :
1 : MW : 175, 83, 62, 47.5, 32.5, 25, 16.5, 6.5
2 : Start
3 : Flowthrough
4 : 5 mM imidazole pool
5 : BASB024 enriched pool

16/17

Figure 5 : Western blot of purified recombinant BASB024 protein probed with anti-His antibody



Lanes :
1 : MW : 175, 83, 62, 47.5, 32.5, 25, 16.5, 6.5
2 : Start
3 : Flowthrough
4 : 5 mM imidazole pool
5 : BASB024 enriched pool

17/17

Figure 6 : Anti-BASB024 antibodies in human convalescent sera by western-blotting using native BASB024 into the gel.

